



Karta przedmiotu

Nazwa i kod przedmiotu	Wprowadzenie do bioinformatyki , PG_00053345						
Kierunek studiów	Inżynieria biomedyczna, Inżynieria biomedyczna, Inżynieria biomedyczna						
Data rozpoczęcia studiów	luty 2025 r.	Rok akademicki realizacji przedmiotu			2025/2026		
Poziom kształcenia	II stopnia	Grupa zajęć			Grupa zajęć fakultatywnych Grupa zajęć specjalnościowych Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki		
Forma studiów	stacjonarne	Sposób realizacji			na uczelni		
Rok studiów	2	Język wykładowy			polski		
Semestr studiów	3	Liczba punktów ECTS			2.0		
Profil kształcenia	ogólnoakademicki	Forma zaliczenia			zaliczenie		
Jednostka prowadząca	Wydział Elektroniki, Telekomunikacji i Informatyki -> Katedra Algorytmów i Modelowania Systemów						
Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców)	Od odpowiedzialny za przedmiot	prof. dr hab. inż. Krzysztof Giaro					
	Prowadzący zajęcia z przedmiotu	prof. dr hab. inż. Krzysztof Giaro					
Formy zajęć i metody nauczania	Forma zajęć	Wykład	Ćwiczenia	Laboratorium	Projekt	Seminarium	RAZEM
	Liczba godzin zajęć	15.0	0.0	15.0	0.0	0.0	30
	W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0						
Aktywność studenta i liczba godzin pracy	Aktywność studenta	Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów	Udział w konsultacjach	Praca własna studenta	RAZEM		
	Liczba godzin pracy studenta	30	2.0	18.0	50		
Cel przedmiotu	Bioinformatyka jest młodą dyscypliną informatyki, której celem jest wspomaganie badań biologicznych metodami komputerowymi. Spektrum metod w niej stosowanych jest szerokie: przetwarzanie tekstów, algorytmy optymalizacji dyskretnej, analiza statystyczna, sztuczna inteligencja, geometria obliczeniowa itd. Przedmiot poświęcony jest prezentacji wybranych problemów obliczeniowych związanych z analizą informacji uzyskiwanych z danych biologicznych, przede wszystkim sekwencyjnych (DNA, białka).						

Efekty uczenia się przedmiotu	Efekt kierunkowy	Efekt z przedmiotu	Sposób weryfikacji i oceny efektu
	[K7_K03] jest gotów do wypełniania zobowiązań społecznych, inspirowania i organizowania działalności na rzecz środowiska społecznego, inicjowania działania na rzecz interesu publicznego, myślenia i działania w sposób przedsiębiorczy	nie dotyczy	[SK3] Ocena umiejętności organizacji pracy
	[K7_W01] zna i rozumie w pogłębionym stopniu matematykę w zakresie niezbędnym do formułowania i rozwiązywania złożonych zagadnień związanych z kierunkiem studiów	Student zna znaczenie biologiczne sekwencji DNA, RNA i białkowych, rozumie modele formalne procesów ich ewolucji oraz metody pozyskiwania informacji z takich danych.	[SW3] Ocena wiedzy zawartej w opracowaniu tekstowym i projektowym
	[K7_U01] potrafi wykorzystywać posiadaną wiedzę matematyczną przy formułowaniu i rozwiązywaniu złożonych i nietypowych problemów związanych z kierunkiem studiów, poprzez: – właściwy dobór informacji źródłowych oraz dokonywanie ich krytycznej analizy, syntezy oraz twórczej interpretacji i prezentacji tych informacji, – zastosowanie właściwych metod i narzędzi	Student zna metody matematyczne wspomagające pozyskiwanie informacji z sekwencji biologicznych i wykorzystuje je w praktyce implementując bioinformatyczne oprogramowanie narzędziowe.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi
[K7_U03] potrafi zaprojektować, zgodnie z zadaną specyfikacją, oraz wykonać typowe dla kierunku studiów złożone urządzenie, obiekt, system lub zrealizować proces, używając odpowiednio dobranych metod, technik, narzędzi i materiałów, korzystając ze standardów i norm inżynierskich, stosując właściwe dla kierunków studiów technologie i wykorzystując doświadczenie zdobyte w środowisku zajmującym się zawodowo działalnością inżynierską	Student implementuje oprogramowanie bioinformatyczne służące do zestawiania dwóch lub wielu sekwencji biologicznych, modelowania ich ewolucji lub analizujące historię filogenetyczną.	[SU4] Ocena umiejętności korzystania z metod i narzędzi	
Treści przedmiotu	1. Wprowadzenie biologiczne. 2. Liniowe dopasowanie dwóch sekwencji 3. Liniowe dopasowanie wielu sekwencji 4. Modelowanie ewolucji sekwencji biologicznych 5. Wstęp do filogenetyki, metody dystansowe 6. Odczytywanie historii ewolucji: metoda parsymonii 7. Wyszukiwanie motywów, ukryte modele Markowa		
Wymagania wstępne i dodatkowe	Przedmioty: 1. Technologie informacyjne (INT) 2. Algebra liniowa 3. Metody probabilistyczne i statystyka		
Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się	Sposób oceniania (składowe)	Próg zaliczeniowy	Składowa ocena końcowej
	Laboratorium	52.0%	50.0%
	Kolokwium w czasie semestru	44.0%	50.0%
Zalecana lista lektur	Podstawowa lista lektur	1. P. Higgs, T. Attwood, "Bioinformatyka i ewolucja molekularna", PWN, 2008. 2. A. Baxevanis, B. Ouellette i inni, "Bioinformatyka, Podręcznik do analizy genów i białek", PWN, 2004. 3. R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison, "Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids", Cambridge University Press, 1999.	

	Uzupełniająca lista lektur	<p>1. P. Winter, G. Hickey, H. Fletcher, "Genetyka, krótkie wykłady", PWN, 2003.</p> <p>2. D. Gusfield, "Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology", Cambridge University Press, 1997.</p> <p>3. M. Waterman, "Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences and Genomes", Chapman & Hall, 1995.</p> <p>4. M. Nei, S. Kumar, "Molecular Evolution and Phylogenetics", Oxford University Press, 2000.</p>
	Adresy eZasobów	Adresy na platformie eNauczanie:
Przykładowe zagadnienia/ przykładowe pytania/ realizowane zadania		
Praktyki zawodowe w ramach przedmiotu	Nie dotyczy	

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.